

Streszczenie

Spadek bioróżnorodności stanowi dziś problem na skalę ogólnoswiatową. Bioróżnorodność, obok różnorodności gatunków i ekosystemów, obejmuje różnorodność genetyczną. Dlatego, aby skutecznie chronić bioróżnorodność, powinniśmy chronić również różnorodność genetyczną. Ma to szczególne znaczenie w dzisiejszych czasach, ponieważ w wyniku działalności człowieka środowisko zmienia się w niesłychanie szybkim tempie i wysoka różnorodność genetyczna może okazać się kluczowa dla możliwości adaptacji wielu gatunków do tak szybko zmieniających się, a przez to stresogennych, warunków. Jednym z czynników antropogenicznych wpływających na poziom różnorodności genetycznej w naturalnych populacjach jest zanieczyszczenie środowiska toksycznymi substancjami chemicznymi. Mimo że naukowcy od dawna próbują odpowiedzieć na pytanie, jak wielkim jest ono zagrożeniem dla różnorodności genetycznej populacji, wyniki badań przeprowadzonych do tej pory nie są jednoznaczne. Ponadto, brakuje badań wielkoskalowych obejmujących ogólnogenomowe analizy wielu gatunków z tego samego zanieczyszczonego obszaru, co pozwoliłoby głębiej spojrzeć na zmiany procesów populacyjnych wskutek ekspozycji na zanieczyszczenie.

W niniejszej rozprawie testowałam hipotezę, że długoterminowa ekspozycja na zanieczyszczenie metalami wpływa na poziom różnorodności genetycznej populacji i że skala tego wpływu zależy od zdolności gatunku do dyspersji. Badania przeprowadziłam wzdłuż gradientu zanieczyszczenia metalami w pobliżu huty cynku i ołowiu „Bolesław” niedaleko miasta Olkusz w Polsce południowej. Badaniami objęłam populacje trzech gatunków bezkręgowców różniących się zdolnością do dyspersji: dżdżownicę *Lumbricus rubellus*, wija drewniaka *Lithobius forficatus* i kusaka czerwonopokrywego *Staphylinus erythropterus*. Próby zebrałam głównie z powierzchni wyznaczonych wzdłuż olkuskiego gradientu skażenia. Różnorodność i strukturę genetyczną populacji oszacowałam na podstawie analiz RAD tagów i sekwencji mtDNA.

Jako że toksyczność metali zależy od ich biodostępności, przeprowadziłam najpierw eksperyment toksykokinetyczny mający na celu oszacowanie biodostępności metali wzdłuż badanego gradientu skażenia (Rozdział 1). Poprzez ekspozycję dżdżownicy *L. rubellus* na glebę pochodzącą z badanego gradientu wykazałam, że mimo wysokiej zawartości materii organicznej w glebie, metale

są dostępne dla organizmów glebowych. Dżdżownice intensywnie akumulowały metale niepełniące żadnej funkcji w organizmie (Cd, Pb), a w przypadku metali będących mikroelementami (Cu, Zn) wykazały efektywną regulację ich stężenia w ciele.

Następnie oszacowałam różnorodność genetyczną populacji wybranych gatunków bezkręgowców. Wykazałam, że najmniej mobilny gatunek, dżdżownica *L. rubellus*, jest wysoce polimorficzny i charakteryzuje się różnorodnością nukleotydów na poziomie 0.7-0.8% (Rozdział 2). Przeciwnie do przewidywań spadku różnorodności ze wzrostem skażenia, spośród populacji z olkuskiego gradientu najwyższą różnorodnością genetyczną charakteryzowała się populacja z najbardziej zanieczyszczonej powierzchni o najwyższej biodostępności metali. Ogólnie, wśród analizowanych osobników *L. rubellus* stwierdziłam pięć wysoce zróżnicowanych linii mitochondrialnych w sympatrii. Wykazałam, że linie te nie były izolowane rozrodczo, o czym świadczyło grupowanie się nuklearnych RAD tagów zgodnie z populacją pochodzenia, a nie zgodnie z liniami mitochondrialnymi. Tym samym obaliłam dodatkową hipotezę, że linie mtDNA dżdżownicy *L. rubellus* z kontynentalnej części Europy reprezentują gatunki kryptyczne.

Analizując populacje wija drewniaka *L. forficatus* (Rozdział 3) odkryłam, że stanowi on w Polsce kompleks co najmniej trzech silnie zróżnicowanych genetycznie grup reprezentujących prawdopodobnie gatunki kryptyczne. Niski poziom admiksji pomiędzy stwierdzonymi grupami, różnice w poziomie różnorodności genetycznej populacji oraz obecność utrwalonych pomiędzy grupami polimorfizmów wskazują na istnienie pomiędzy nimi izolacji rozrodczej. Nie stwierdziłam, natomiast, wpływu skażenia metalami na strukturę genetyczną wija.

W przypadku najbardziej mobilnego gatunku, *S. erythropterus*, wykazałam bardzo niskie zróżnicowanie genetyczne świadczące o intensywnym przepływie genów pomiędzy populacjami (Rozdział 4). Badane populacje charakteryzowały się zbliżonym poziomem różnorodności genetycznej genomu nuklearnego ($\pi \sim 0.5\%$) oraz niewielkimi różnicami w różnorodności mtDNA. Żadna z wykorzystanych miar różnorodności genetycznej nie była skorelowana ze stężeniem metali w glebie. Jedynie populacja kusaka z powierzchni o najwyższej biodostępności metali charakteryzowała się różnorodnością mtDNA istotnie wyższą od różnorodności obserwowanej w innych populacjach z gradientu olkuskiego. Liczba i różnorodność haplotypów oszacowana na

podstawie RAD tagów również były najwyższe w tej populacji, ale nieistotnie różne od różnorodności obserwowanej w pozostałych olkuskich populacjach.

Podsumowując, wyniki zaprezentowane w niniejszej rozprawie nie potwierdzają hipotezy, że zanieczyszczenie metalami redukuje poziom różnorodności genetycznej populacji tym bardziej im mniejsze możliwości dyspersji ma gatunek eksponowany na zanieczyszczenie. W przypadku, zarówno najmniej mobilnego gatunku, dżdżownicy *L. rubellus*, jak również gatunku najbardziej mobilnego, t.j. kusaka *S. erythropterus*, najwyższą różnorodność genetyczną stwierdziłam w populacjach z silnie skażonej powierzchni charakteryzującej się najwyższą biodostępnością metali. Wynikać to może z tempa mutacji podwyższonego wskutek wysokiego stresu oksydacyjnego na tej powierzchni, bądź też, szczególnie w przypadku kusaka, wzmożonej imigracji osobników z sąsiednich populacji do populacji spełniającej rolę „ekologicznego ujścia”. Ponadto, przeprowadzone badania zaowocowały odkryciem gatunków kryptycznych wija drewniaka *L. forficatus*, co podkreśla konieczność uwzględnienia kryptycznej różnorodności w badaniach ekotoksykologicznych.

